

УДК 575:314

**К.О. Кононець<sup>1</sup>, О.Г. Лановенко<sup>2</sup>**

<sup>1,2</sup>Херсонський державний університет,  
вул. 40 років Жовтня, 27, Херсон, 73000, Україна

## **ОСОБЛИВОСТІ ВПЛИВУ ШЛЮБНО-МІГРАЦІЙНИХ ПРОЦЕСІВ НА ДИНАМІКУ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ЛЮДСЬКИХ ПОПУЛЯЦІЙ ТА ПОШИРЕНІСТЬ СПАДКОВОЇ ПАТОЛОГІЇ**

Міграційні процеси відносяться до основних факторів динаміки популяцій, що змінюють їх генофонд і формують нові генотипи. Вони сприяють збільшенню гетерогенності популяцій і, врешті-решт, обумовлюють зміну їх генетичної структури. Аналіз інтенсивності і напрямків шлюбної міграції дає можливість оцінити біологічні межі досліджуваних популяцій, тобто розмір елементарної популяції, ступінь її ізолюваності, характер зв'язку із сусідніми популяціями, що дуже важливо для розуміння характеру мікроеволюційних процесів. Аналіз наявності зв'язку між міграцією (відповідно, потоком генів) і розміром популяції показав, що рівень міграції найбільш високий у популяціях малого (до 800 жителів) і більшого (більше 1600) розміру і найбільш низький у популяціях середнього розміру. Якщо вихідні частоти алелів різні в старожилих і прибульцях, то міграція призводить до генетичного ефекту – змінює частоти алелів [1]. Нині міграція для багатьох людських популяцій є основним чинником оновлення генофонду. У деяких країнах, де поряд з урбанізованими популяціями існують ізоляти, показано, що висока генетична мономорфність країни пов'язана зі слабкою внутрішньою міграцією. Адаптивна цінність деяких генів, поширених у популяціях з високою частотою, не піддається поясненню, мабуть, вони розподілилися так унаслідок чинності потужних міграційних потоків, добір за якими ще не відбувся [2].

Формування стійкості популяції як системи досягається за рахунок збалансованої дії комплексу факторів популяційної динаміки і, зокрема, за рахунок балансу випадкового дрейфу генів і міграційних процесів. Змінний характер інтенсивності міграцій забезпечує підтримання оптимального генетичного різноманіття, тоді як при низькому рівні міграцій відбувається падіння генетичного розмаїття (гетерозиготності), а при високому – різке його зростання. Суттєва стабільність характерна для структурованої популяції у порівнянні з панміксною. Консервативні елементи демографічної системи через регламентацію шлюбних відносин, сімейну структуру, народжуваність, плодючість і смертність, характер розселення і міграцію визначають основні генетичні параметри – рівень спадкового

поліморфізму, гетерозиготність, величину генетичного тягаря [2]. Підкреслимо, що реєструється і інша залежність: рівень генетичної різноманітності визначає поведінку демографічної системи [3].

Частота спадкової патології безпосередньо залежить від шлюбної структури популяції. Позитивна шлюбна асортативність підвищує ймовірність утворення пари з подібним фенотипом. Якщо ця подібність обумовлено генотипом, то створюється надлишок гомозигот і знижується питома вага гетерозигот, тобто наслідки позитивної шлюбної асортативності аналогічні наслідкам інбридингу [3]. Незалежно від того, за якою ознакою популяція стає структурованою, відбувається відхилення від панмиксії за деякими спадковими хворобами. Особливо чутливими до шлюбної структури є аутосомно-рецесивні хвороби, а також захворювання з генетичним компонентом, у системі генетичного контролю яких присутні рецесивні гени. З іншого боку, виявлено, що позитивно асортативні шлюби більш стабільні. У таких шлюбах народжується більше дітей [4].

За науковими повідомленнями, більшість сільських популяцій характеризуються позитивною шлюбною асортативністю за національною ознакою і вступом у шлюб переважно з особами своєї ж національності [3, 4]. За результатами популяційних досліджень, проведених нами, міська та сільські популяції Херсонській області характеризуються нестабільною популяційною структурою і розрізняються між собою за інтенсивністю і спрямованістю міграційних процесів. Між популяціями зареєстрований невисокий обмін гамет; міграції мають часову динаміку.

Аналіз шлюбної структури сільських популяцій Херсонської області виявив переважання однонаціональних шлюбів (92,2%), знижену частку міжнаціональних шлюбів (7,1%). Частка межнаціональних шлюбів невисока – частка українсько-російських шлюбних пар є найбільшою у Генічеському районі і складає 6,3%. Інтенсивність метисації (частка українсько-татарських та українсько-турецьких шлюбів) незначна – до 1,5%. При такій інтенсивності метисації для зміни генетичної структури популяцій внаслідок зміни частот алелів потрібно більше 10 поколінь, тривалість одного покоління у людини становить в середньому 30 років. Відзначимо, що даний рівень метисації характеризує лише період початку XXI століття, отже, оцінити, яким він був раніше або буде пізніше, на підставі наявних у нас даних ми не можемо. За період проведення дослідження (2000–2011 рр.) частота аутосомно-рецесивної патології новонароджених Херсонської області несуттєво відрізняється у міських і сільських популяціях і складає в середньому 1: 10 000.

Таким чином, зміна шлюбно-міграційної структури популяції суттєво впливає на динаміку її генофонду. Моніторинг поширеності аутосомно-рецесивної патології у популяціях разом з вивченням динаміки шлюбно-міграційної структури та генетичних процесів у популяціях людини дозволить прогнозувати напрямок та інтенсивність мутаційного процесу,

Біологічні дослідження. – 2013: матеріали IV наук.-практич. всеукр. конф., 16-18 квітня 2013 р. – Житомир, 2013.

обсяг медичної допомоги населенню, забезпечити ефективну організацію медико-генетичної служби.

#### Література

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. – М.: Академкнига, 2003. – 431 с.
2. Евсюков А.Н., Жукова О.В., Шереметьева В.А. и др. География эффективного размера сельского населения Северной Евразии. Эффективный размер и интенсивность случайного дрейфа генов // Генетика. 1996. –Т. 32. – № 10. – С. 1369–1405.
3. Ревазов А.А. Динамика параметров генетической структуры и наследственной отягощенности в современных популяциях человека: Автореф. дис. докт. биол. наук. М., 1985. – 46 с.
4. Ельчинова Г.И. Метрика, построенная через параметры изоляции расстоянием Малеко, как характеристика генетического сходства популяций. / Генетика, 2000. – Т. 36, №6. – С. 856–858.